



Large-scale, Multi-gene Phylogenetic Analyses of Previously Overlooked Microeukaryotes: Toward Better Understanding of the Evolution and Diversity of Eukaryotes

著者	Yazaki Euki
発行年	2017
その他のタイトル	大規模分子系統解析による新規単細胞真核生物の系統的位置の解明：真核生物の進化と多様性の解明に向けて
学位授与大学	筑波大学 (University of Tsukuba)
学位授与年度	2016
報告番号	12102甲第8122号
URL	http://hdl.handle.net/2241/00147744

氏名	矢崎 裕規		
学位の種類	博 士（理学）		
学位記番号	博 甲 第 8122 号		
学位授与年月日	平成 29年 3月 24日		
学位授与の要件	学位規則第4条第1項該当		
審査研究科	生命環境科学研究科		
学位論文題目	<p>Large-scale, Multi-gene Phylogenetic Analyses of Previously Overlooked Microeukaryotes: Toward Better Understanding of the Evolution and Diversity of Eukaryotes (大規模分子系統解析による新規単細胞真核生物の系統的位置の解明：真核生物の進化と多様性の解明に向けて)</p>		
主査	筑波大学教授	学術博士	橋本 哲男
副査	筑波大学教授（連携大学院）	博士（医学）	野崎 智義
副査	筑波大学准教授（連携大学院）	博士（医学）	永宗 喜三郎
副査	筑波大学教授	博士（理学）	稲垣 祐司

論 文 の 要 旨

原核生物からどのようなプロセスを経て最初の真核生物が誕生したのか、その後に原始真核生物から現存の主要系統がどう派生したのかという、真核生物の起源と初期進化の問題は基礎生物学の重要課題であるが、未だに不明な点が多い。この問題に迫るためには、真核生物の多様性の大半を占めている単細胞真核生物（いわゆる原生生物）の進化多様性の解明が必須である。とくに、主要な系統マーカーである小サブユニットリボソームDNA（SSU rDNA）の配列データや小規模の複数遺伝子連結データの解析で系統的帰属を明らかにできないような新規原生生物を、大規模な複数遺伝子連結データを用いた分子系統解析により真核生物系統樹の中に位置付け、多様性の一端を明らかにする研究は重要である。本論文の著者は、大規模分子系統解析により系統樹の解像度を上げることを通して、さまざまな原生生物の進化多様性を解明する研究に取り組み、キネトプラスチダ門の内部系統、新規真核生物2種の系統的位置に関する新知見を得た。

本論文の第1章で著者は、イントロダクションとして、真核生物の系統進化研究の現状を概観し、系統的位置が未知の原生生物を真核生物の系統樹に位置付けることの重要性と、その方法論としての大規模分子系統解析の意義について述べている。

第2章において著者は、キネトプラスチダ門の系統関係をもとに寄生生活性の進化について議論している。著者は、キネトプラスチダ門の目間の系統関係を明確にするために、アメーバ寄生性の *Ichthyobodo-related organism*（IRO；パラキネトプラスチダ目）、ホヤ寄生性の *Azumiobodo hoyamushi*（ネオボド目）、魚類寄生性の *Trypanoplasma borreli*（パラボド目）から次世代シーケンス解析によるトランスクリプトームデータを取得し、次いで12生物種、43遺伝子、6,842アミノ酸座位の配列データに基づく大規模分子系統解析を行った。最尤法及びベイズ

法による系統解析の結果、プロキネトプラスチダ目、ネオボド目、パラボド目、ユーボド目、トリパノソーマ目の順に分岐したことが高い解像度で復元された。さらに、キネトプラスチダ門の50種を用いたSSU rDNA配列データによる分子系統解析の結果を踏まえて総合的に考察することにより、キネトプラスチダ門の進化過程で自由生活から寄生生活への生活様式の変遷が少なくとも独立に5回起こったことを明らかにした。

第3章において著者は、嫌気性の新規原生生物であるPAP020株の系統的位置の推測結果をもとにその進化的意義を議論している。著者は、筑波大学の白鳥峻志博士が単離しSSU rDNA解析で系統的位置を明確にできなかったPAP020株を対象に、その真核生物系統樹上での位置を推測するための解析を行った。PAP020培養株から次世代シーケンス解析によりトランスクリプトームデータを取得し、データマイニングの後、148遺伝子について他の網羅的な真核生物種とのアライメント解析を行い、83種、38,816アミノ酸座位のデータセットに基づき最尤法及びベイズ法による大規模分子系統解析を行った。さらに、得られた結果の頑健性を確かめるために、系統間・座位間の進化速度の極端な相違の影響を考慮した解析を併用し、解像度に優れ信頼性の高い系統樹の推測を達成した。その結果、PAP020株がフォルニカータ生物群の基部に位置づけられることを明確に示し、嫌気性で退化型ミトコンドリアをもつ生物のみから構成されるフォルニカータ生物群のミトコンドリアの進化を解明するための鍵となる生物である点について議論した。

さらに第4章において著者は、好気性の新規原生生物であるSRT308株の系統的位置の推測結果をもとにその進化的意義を議論している。著者は、同じく白鳥博士が単離し系統的位置未定であったSRT308株を対象に、同様の方法により153遺伝子、79種、38,592座位のデータセットに基づく大規模分子系統解析を試み、SRT308株がユーグレノゾア生物群の基部に位置付けられることを明確に示した。この結果をもとに、SRT308株のミトコンドリアが、ゲノムの構造と転写機構が著しく多様化しているユーグレノゾア生物群のミトコンドリアの祖先的形質を保持している可能性について論じ、今後のSRT308株のミトコンドリアの解析の重要性を示唆した。

審 査 の 要 旨

本論文の著者は、基盤的研究技術がほとんど確立されていないさまざまな非モデル生物を対象に、困難を克服してトランスクリプトーム解析を行い、大規模分子系統解析のデータセットを整備した。このデータセット自体は今後の当該分野の進展に資する大きな成果である。また、洗練された詳細な大規模分子系統解析により、キネトプラスチダ門内部の目間の系統関係、新奇真核生物 PAP020 株のフォルニカータ生物群の基部への位置付け、新奇真核生物 SRT308 株のユーグレノゾア生物群の基部への位置付けなどを明確に示した。これらは、キネトプラスチダ門における寄生適応進化の解明、フォルニカータ生物群におけるミトコンドリアの縮退進化の解明、ユーグレノゾア生物群におけるミトコンドリア多様化プロセスの解明など細胞進化学の重要な課題に取り組む際の基盤となる知見である。したがって、基礎生物学上重要な成果をもたらしたと考えられ、高く評価できる。

平成 29 年 2 月 1 日、学位論文審査委員会において、審査委員全員出席のもとに論文の審査及び最終試験を行い、本論文について著者に説明を求め、関連事項について質疑応答を行った。その結果、審査員全員によって合格と判定された。

よって、著者は博士（理学）の学位を受けるのに十分な資格を有するものとして認める。